KUIPER, J. W. 1962. *The optics of the compound eye*. Symp. Soc. exp. Biol. 16: 58—71.
MC CANN, G. D. and G. F. MAC GINITIE. 1965. *Optomotor response studies of insect vision*. Proc. Roy. Soc. London, Ser. B, 163: 369—401.
MENZEL, R. und R. WEHNER. 1970. *Augenstrukturen bei verschieden grossen Arbeiterinnen von Cataglyphis bicolor (Formicidae, Hymenoptera)*. Z. vergl. Physiol. 68: 446—449.
STRAUSFELD, N. J. and V. BRAITENBERG. 1970. *The compound eye of the fly (Musca domestica) : Connections between the cartridges of the lamina ganglionaris*. Z. vergl. Physiol. 70: 95—104.
WASHIZU, Y., D. BURKHARDT and P. STRECK. 1964. *Visual field of single retinula cells and interommatidial inclination in the compound eye of the blowfly Calliphora erythrocephala*. Z. vergl. Physiol. 48: 413—428.
WATERMAN, T. H. 1954. *Polarized light and angle of stimulus incidence in the compound eye of Limulus*. Proc. Nat. Acad. Sci. 40: 258—262.
WEHNER, R. 1969. *Die optische Orientierung nach Schwarz-Weiss-Mustern bei verschiedenen Grössenklassen von Cataglyphis bicolor Fab. (Formicidae, Hymenoptera)*. Rev. suisse Zool. 76: 371—381.
— 1970. *Die Konkurrenz von Sonnenkompass- und Horizontmarken-Orientierung bei der Wüstenameise Cataglyphis bicolor (Hymenoptera, Formicidae)*. Verh. dtsch. Zool. Ges. 64: 238—242.
— 1971. *Visual orientation performances of desert ants, Cataglyphis bicolor, towards astromenotactic directions and horizon landmarks*. Proc. AIBS Symp. Animal Orientation and Navigation, Wallops Station, Virginia; in press.
— and P. DUELLI. 1971. *The spatial orientation of desert ants, Cataglyphis bicolor, before sunrise and after sunset*. Experientia, in press.
WIEDEMANN, I. 1965. *Versuche über den Strahlengang im Insektenauge (Appositionsauge)*. Z. vergl. Physiol. 49: 526—542.

Nº 39. **H. Weideli** und **P. S. Chen**. — Proteinsynthese in einem zellfreien System des Wildtypes und der Letalmutante *l(3)tr* von *Drosophila melanogaster*.[1] (Mit 2 Textabbildungen)

Zoologisch-vergl. anatomisches Institut der Universität Zürich

Im Rahmen unserer Untersuchungen über die genetisch-biochemischen Grundlagen der Morphogenese gewinnen diejenigen Letalmutanten eine besondere Bedeutung, deren Entwicklung in phasen-spezifischer Weise abgebrochen wird.

[1] Ausgeführt und herausgegeben mit Unterstützungen durch den Schweizerischen Nationalfonds zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung und die Georges und Antoine Claraz-Schenkung.

Die Analyse über die Primärwirkung derartiger Mutanten kann Einblick in di Kontrollmechanismen der Differenzierungsprozesse vermitteln, und dami Aufschlüsse über die Gen-Funktion und Gen-Regulation geben.

Charakteristisch für die Mutante „*letal-translucida*" (*l(3)tr*) von *Drosophil melanogaster* sind die starke Akkumulation der Hämolymphe, Reduktion de Fettkörpers und Verzögerung der Entwicklung (HADORN, 1949). Die homozy goten Larven, die die erste sensible Phase gegen Ende der Embryonalentwicklun überstehen, verpuppen sich regelmässig. Bei der Mehrzahl dieser Individuen bleibt die weitere Entwicklung jedoch bereits im Vorpuppenstadium stehen und nur in einer geringen Anzahl wird eine partielle Adultdifferenzierung in der Kopf- und Thoraxregion verwirklicht. Die sogenannten Durchbrenne treten niemals auf.

Die bisherigen biochemischen Untersuchungen der vorliegenden Mutant ergeben charakteristische Veränderungen im Protein- und Nukleinsäurestoff wechsel (für Literaturangaben, siehe zusammenfassende Darstellungen vo HADORN, 1961 und CHEN, 1966, 1967, 1971). Im Vergleich mit dem Wildty zeichnet sich die Hämolymphe der *l(3)tr*-Larven durch einen erhöhten Gehal an freien Aminosäuren (HADORN und MITCHELL 1951, HADORN und STUMM ZOLLINGER, 1953; STUMM-ZOLLINGER, 1954) und eine stark verminderte Protein konzentration (WUNDERLY und GLOOR, 1953; CHEN 1956, 1959) aus. Injektio von markierten Aminosäuren bewies, dass die Proteinsynthese der *l(3)tr* Homozygoten eindeutig herabgesetzt ist (WEINMANN, 1964; BAUMANN, 1969) Andrerseits inkorporiert der Fettkörper aus den letalen Larven unter *in vitr* Bedingung gleich viel ^{14}C-Valin in die Proteine wie derjenige einer 63-stündigen +/+ Larve, und die Einbau-Rate nimmt gegen Ende des Larvallebens im Gegensatz zum Wildtyp nicht ab (RÜEGG 1968). Allerdings kann dieses Ergebni nicht direkt mit demjenigen des Injektionsversuches verglichen werden, da di Letallarven eine ungewöhnlich hohe Proteasenaktivität aufweisen. Möglicher weise werden die Proteine, die *in vivo* synthetisiert werden, sofort wieder abgebaut

Angesichts dieser komplexen Situation sind weitere Auskünfte über de Nukleinsäurestoffwechsel für die Abklärung der Mutationswirkung notwendig Es ist bekannt, dass die Biosynthese der Proteine eng mit der Synthese der RNS und DNS gekoppelt ist. Nach METZENBERG (1962) ist der Gehalt an ADP und AMP bei den *l(3)tr*-Homozygoten stark reduziert im Vergleich mit dem entsprechenden Stadium des Wildtyps. Es wurde aber kein Unterschied in der Total-RNS zwischen den beiden Genotypen festgestellt. Mittels cyto-chemischer Analyse fanden WELCH und DEBAULT (1968), dass die Synthese der RNS und Proteine in den *l(3)tr*-Speicheldrüsen weiter stattfindet, selbst nach einem frühzeitigen Abbruch der DNS-Synthese. Die Autoren vertreten die Ansicht, dass die primäre Wirkung des *l(3)tr*-Faktors auf einer Störung des DNS-Stoffwechsels beruht. Eine solche Schlussfolgerung scheint uns verfrüht zu sein.

da die von ihnen angewendete Methode ungeeignet ist, die wechselseitigen Beziehungen zwischen DNS und RNS einerseits und zwischen RNS und Proteinsynthese andererseits abzuklären.

Besonders aufschlussreich sind neuere Untersuchungen über das Muster und die Synthese der einzelnen RNS-Typen (WEIDELI, 1971). Larven des Wildtyps und der Mutante wurden auf sterilem Medium aufgezogen und in geeigneten Stadien mit ^{32}P-Orthophosphat pulse-markiert. Nach Phenolextraktion wurde die RNS mittels Dichtegradienten-Zentrifugation und Polyacrylamidgel- Elektrophorese analysiert. Es zeigte sich, dass der Einbau des Phosphats in die RNS im allgemeinen geringer ist bei den *l(3)tr*-Homozygoten als bei +/+-Larven des entsprechenden Entwicklungsalters. Kurz vor der Verpuppung wird die Synthese aller RNS-Typen bei den Letalen vollständig gehemmt, während die RNS-Fraktionen des Wildtyps noch eine bedeutende Markierung aufweisen. Von besonderem Interesse sind diejenigen RNS-Fraktionen, die sich nach der Gelelektrophorese in der Region zwischen 5 S und 18 S befinden. Ihre Markierung ist bereits eindeutig bei 3-tägigen +/+-Larven und erreicht ein Maximum am 4. Tag. Hingegen ist die Markierung dieser Fraktionen bei *l(3)tr*-Larven am 3. Tag am stärksten, und sinkt danach bis zur Verpuppung ständig ab. Es scheint, dass Larven des Wildtyps bedeutend länger RNS aus diesen Gelbereichen synthetisieren als die Letalen. Nach Angaben früherer Autoren und aufgrund der hohen Radioaktivität bei der Pulse-Markierung handelt es sich hier wahrscheinlich um mRNS. Die vorliegenden Befunde gaben uns Anlass, die Leistungen der einzelnen an der Proteinsynthese beteiligten Komponenten in einem zellfreien System zu prüfen.

In dieser Arbeit werden die folgenden Abkürzungen gebraucht: AMP = Adenosinmonophosphat, ADP = Adenosindiphosphat, ATP = Adenosintriphosphat, GTP = Guanosintriphosphat, PTC = Phenylthioharnstoff, DTT = Dithiothreitol, EDTA = Aethylendiamintetraessigsäure, DNS = Desoxyribonukleinsäure, m RNS = Messenger RNS, Leu = Leucin, Val = Valin, Ala = Alanin, Arg = Arginin, AspN = Asparagin, Cys = Cystin, Gly = Glycin, Glu = Glutaminsäure, GLuN = Glutamin, Met = Methionin, Tyr = Tyrosin, Phe = Phenylalanin, His = Histidin, Ileu = Isoleucin, Thr = Threonin, ProOH = Hydroxyprolin, Pro = Prolin, Try = Tryptophan, Lys = Lysin.

MATERIAL UND METHODE

Dreistündige Gelege von Drosophilalarven des Wildstammes „Sevelen" sowie *l(3)tr/l(3)tr*-Homozygoten aus der Kreuzung *l(3)tr Ubx/TM*$_1$, *Mé ri sbd*$_{I}$♀ × *l(3)tr Sb/In (3L) P + (3R) P18, Mé Ubx e*^{4}♂ wurden auf synthetischem Medium unter steriler Bedingung bei 25° C aufgezogen. Die Ribo-

somen und zwei Fraktionen der pH 5,3-Enzyme des gewünschten Stadiums wurden nach folgendem Verfahren gewonnen:

Medium A: 0,05 m TRIS-HCl pH 7,8, 0,025 m KCl, 0,011 m $MgCl_2$, 0,01 m NH_4Cl, 0,004 m 2—Mercaptoäthanol, 0,25 m Saccharose, 0,0001 m EDTA, abgeändert nach HOAGLAND (1955).

Medium B: 0,9 m Saccharose, 0,003 m $MgCl_2$, 0,025 m KCl, 0,0001 m EDTA, nach JENNY *et al.* (1962).

Medium C: 0,15 m TRIS-HCl pH 8,4, 0,01 m PTC.

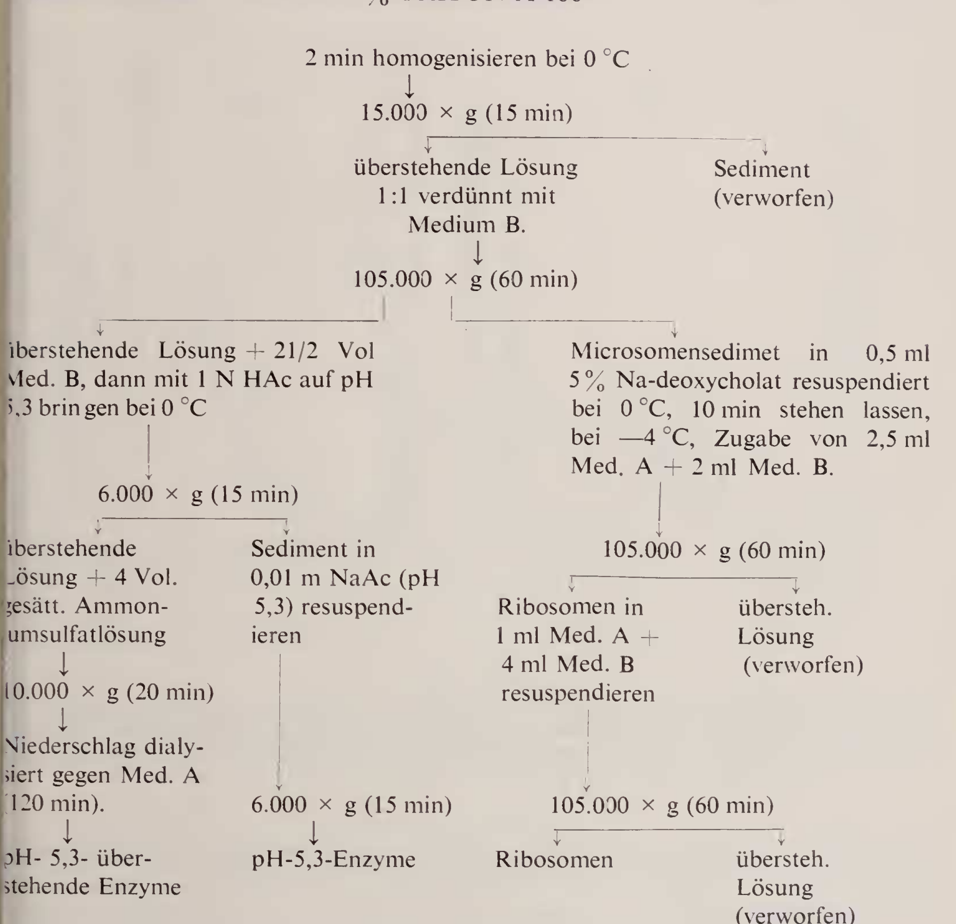
Für die Herstellung der tRNS und mRNS wurden 4-tägige +/+-Larven bzw. 5-tägige *l(3)tr*-Larven mit Phenol extrahiert. Nach Dialyse wurde der DNS-freie RNS-Extrakt über einen Dichtegradienten (5—20% Saccharose) geschichtet und zentrifugiert. tRNS wurde aus dem niedermolekularen Bereich gesammelt, während mRNS dem Bereich 7—25 S entnommen werden konnte. Vorversuche zeigten, dass vorwiegend RNS aus diesem Bereich die Inkorporation der Aminosäuren in die Proteine stimuliert. Schliesslich wurden die optimalen Konzentrationen der einzelnen Komponenten mit Hilfe eines synthetischen Messengers (Poly-UAG, 4:2:1) festgelegt. Das von uns verwendete zellfreie System hat die folgende Zusammensetzung:

1 ml Medium A enthält: 4 mg Ribosomen, 6 mg pH- 5,3-Enzyme, 0,5 mg pH 5,3—überstehende Enzyme, 2 mM ATP, 0,25 mM GTP, 10 mM Creatinphosphat, 100 μg Creatinphosphokinase, 0,005 mM PTC, 250 μg tRNS, 2,5 mg „mRNS", 3,2 μC ^{14}C-Leu (312 mC/mM), 0,81 μC ^{14}C-Val (108 mC/mM) und 0,005 mM je Aminosäure (L-Ala, L-Arg, L-AspN, L-Cys, Gly, L-Glu, L-GluN, L-Met, L-Tyr, L-Phe, L-His, L-Ileu, DL-Thr, L-ProOH, L-Pro, L-Try, L-Lys).

Das Gemisch wurde zuerst ohne Zugabe der Enzymfraktion bei 20 °C während 10 min vorinkubiert, um die Polysomenbildung zu ermöglichen. Anschliessend wurde die Enzymfraktion zugegeben, und das vollständige System bei 37 °C während 60 min gehalten. Nach Beendigung der Inkubation wurden die Proteine mit 4 Volumen einer gesättigten $(NH_4)_2SO_4$-Lösung ausgefällt, abzentrifugiert, in Medium C aufgenommen und gegen dasselbe Medium bei 6°C dialysiert. Die gereinigten Proben wurden mittels Polyacrylamidgel-Elektrophorese aufgetrennt. Nach densitometrischer Auswertung der Proteinkonzentration wurde die Aktivität der einzelnen Banden mit einem Flüssigkeits-Szintillationszähler ermittelt.

ERGEBNISSE UND DISKUSSION

Die Ergebnisse für die +/+- und *l(3)tr*-Larven sind in Abbildung 1 dargestellt. Das elektrophoretische Muster zeigt, dass die für die *in vitro* Synthese



verwendeten Enzymproteine quantitativ verschieden zusammengesetzt sind. Im *l(3)tr*-System sind die Fraktionen 5 und 6 relativ konzentrierter als im +/+-System, während für die Fraktion 8 das umgekehrte der Fall ist. Das am Startpunkt liegengebliebene Material besteht vor allem aus Ribosomen und Polysomen. Die darin vorhandene hohe Aktivität stammt wahrscheinlich von neusynthetisierten Proteinen, die nicht von den Polysomen abgelöst wurden. Für die übrigen Fraktionen ist ein deutlicher Unterschied des Markierungsmusters zwischen den beiden zellfreien Systemen feststellbar. Im ganzen zeigt das

System des Wildtyps eine höhere Einbaurate der ^{14}C-Aminosäuren. Es werden vor allem die hochmolekularen Fraktionen 2, 5, 6, 9 und 10 markiert. Die entsprechenden Fraktionen im System der Mutante haben eine auffallend geringe Aktivität, während diejenigen in der niedermolekularen Gelregion sich als relativ stark markiert erweisen. Damit wird gezeigt, dass die zellfreien Systeme der beiden

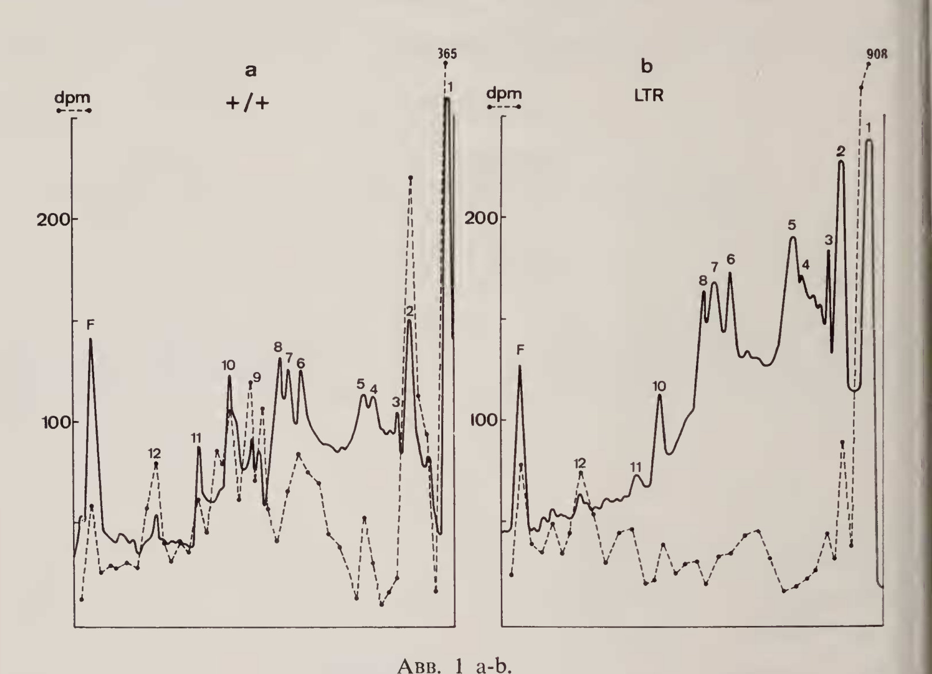


ABB. 1 a-b.

Elektrophoretische Auftrennung der ^{14}C-markierten Proteine eines zellfreien Systems des Wildtyps (a) und. der Letalmutante *l(3)tr* (b) von *Drosophila melanogaster*. Ordinate: Radioaktivität in dpm (●- - -●). Ausgezogene Linie: Densitometrische Auswertung der mit Amidoschwarz gefärbten Proteine. F = Front, 1—12 = Proteinfraktionen.

Genotypen unter der gleichen *in vitro* Bedingung unterschiedliche Proteinsynthesemuster liefern.

In einem weiteren Versuch wurden im +/+- und *l(3)tr*-System die einzelnen Komponenten des einen Genotyps durch die entsprechenden Komponenten des anderen Genotyps ersetzt. Dabei zeigte sich, dass der Austausch von tRNS, Ribosomen und beiden Enzymfraktionen keine Veränderung des Markierungsmusters ergab. Hingegen stellten wir beim Austausch der mRNS zwischen den beiden Genotypen deutliche Unterschiede in der Proteinsynthese fest. Wird ein +/+ System mit *l(3)tr*-„Messenger" inkubiert, so gleicht das Markierungsmuster der Proteine stark demjenigen des homogenen *l(3)tr*-Systems (Abb. 2 *b*). Die Gesamtmarkierung entspricht weitgehend derjenigen des *l(3)tr*-Systems. Umgekehrt ergibt die Inkubation eines *l(3)tr*-Systems mit +/+-„Messenger"

in Markierungsmuster, welches ebenso stark demjenigen des homogenen +/+-ystems gleicht (Abb. 2 *a*). Zudem bleibt die Gesamtaktivität hinter derjenigen ines reinen +/+-Systems deutlich zurück. Somit wird der Beweis erbracht, ass die mRNS allein in beiden Systemen für das Proteinsynthesemuster verant-ortlich ist.

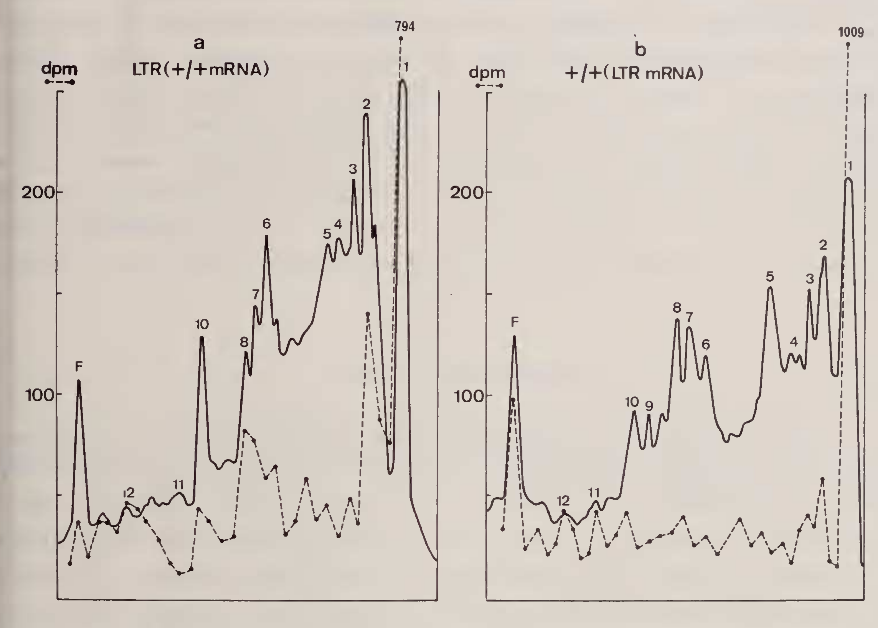


ABB. 2 a-b.
Elektrophoretische Auftrennung der ^{14}C-markierten Proteine eines zellfreien Systems nach Austausch der mRNS. (a) mRNS vom Wildtyp, restliche Fraktionen von *l(3)tr*. (b) mRNS von *l(3)tr*, restliche Fraktionen vom Wildtyp. Für weitere Erklärung, siehe Text in Abb. 1.

Im allgemeinen ist der Einbau der Aminosäuren in die Proteine bei den von ıns verwendeten zellfreien Systemen relativ gering. Dies ist wahrscheinlich auf lie Tatsache zurückzuführen, dass pH 5,3-Enzyme von *Drosophila* für die *in vitro* Proteinsynthese ungeeignet sind (siehe ILAN, 1968). Da für unsere Problemstellung alle Komponenten des zellfreien Systems untersucht werden sollen, haben wir larauf verzichtet, Enzyme aus Bakterien oder Säugern zu verwenden. Ferner vurde, aus technischen Gründen, in der vorliegenden Arbeit mRNS aus 3-tägigen +/+- bzw. 4-tägigen *l(3)tr*-Larven hergestellt, während die übrigen Komponenten aus den verpuppungsreifen Larven stammten. Inwiefern eine solche Kombination der Wirklichkeit entspricht, bleibt noch abzuklären. Aus diesen Gründen nüssen die hier gewonnenen Ergebnisse mit Vorsicht interpretiert werden.

Es ist auffallend, dass zellfreie Systeme, die *l(3)tr*-„Messenger" enthalten, stets eine geringere Markierung aufweisen. Dies könnte darauf beruhen, dass die

l(3)tr-Larven weniger mRNS synthetisieren, als die Larven des Wildtyps. Allerdings, wie die Lokalisation der vorliegenden Mutante zeigt (Rosin, 1949), haben wir keinen Grund anzunehmen, dass eine grosse „deficiency“ vorliegt. Es könnte sein, dass die letalen Larven gleich viel mRNS synthetisieren wie die Normalen, die aber weniger stabil ist und während der Präparation zerstört wird. Eine weitere Erklärungsmöglichkeit besteht darin, dass die *l(3)tr*-Larven höhere Aktivitäten an Proteasen (Rüegg, 1968) und alkalischen Phosphatasen (Borner, unveröffentlicht) aufweisen, als die +/+-Individuen. Durch Verunreinigungen der von uns gebrauchten Enzymfraktion könnten diese nachteilig auf das *l(3)tr*-System wirken. Für eine sichere Interpretation muss die morphogenetische Bedeutung der vorliegenden mRNS zuerst abgeklärt werden. Da ihre Synthese kurz vor der Verpuppung stattfindet, könnte sie für die Metamorphose von Bedeutung sein. Jedenfalls zeigt unser Versuch, dass die mRNS der *l(3)tr*-Mutante eine verminderte Syntheseleistung aufweist als diejenige des Wildtyps.

Zusammenfassung

Für die Analyse der Proteinsynthese des Wildtyps und der Letalmutante *l(3)tr* von *Drosophila melanogaster* wurde ein zellfreies System ausgearbeitet, welches ausschliesslich aus Fraktionen der Larven beider Genotypen zusammengesetzt ist. Es zeigte sich, dass das *l(3)tr*-System gesamthaft eine geringere Markierung aufweist, und Aminosäuren in die Proteine niederen Molekulargewichts einbaut als das entsprechende +/+- System. Der Austausch der einzelnen Fraktionen zwischen den beiden Systemen deutet darauf hin, dass die mRNS mit Sedimentationskoeffizienten von 5—18 S allein für das unterschiedliche Proteinsynthesemuster verantwortlich ist. Die Bedeutung der vorliegenden Befunde wird im Zusammenhang mit der letal wirkenden Mutation diskutiert.

Résumé

Pour l'analyse de la synthèse des protéines dans le type sauvage et dans la mutante léthale *l(3)tr* de *Drosophila melanogaster* un système cellulaire a été élaboré, qui consiste uniquement en fractions de larves des deux génotypes. En général, le système *l(3)tr* présentait un marquage moindre et incorporait des acides aminés dans des protéines de poids moléculaire moindre que le système +/+ correspondant. L'échange de fractions individuelles entre ces deux systèmes indique que le mRNA avec un coéfficient de sédimentation de 5-18 S est seul responsable des patterns différents des protéines. Les résultats obtenus sont discutés en connexion avec la léthalité de l'effet mutationnel.

Summary

For the analysis of protein synthesis in the wild type and in the lethal mutant *(3) tr* of *Drosophila melanogaster* a cell-free system was worked out which consisted of only fractions from larvae of the two genotypes. In general the *l(3)tr*-ystem showed a lower labelling and incorporated amino acids into proteins of ower molecular weights than the corresponding +/+-system. The exchange of ndividual fractions between these two systems indicates that mRNA with a edimentation coefficient of 5—18 S alone is responsible for the different protein atterns. The present results are discussed in connection with the lethality of the nutational effect.

LITERATUR

Baumann, P. A. 1969. *Untersuchungen zum Proteinstoffwechsel bei alternden Adultmännchen, Larven des Wildtyps und der Letal-Mutanten (ltr und lme) von Drosophila melanogaster.* Z. vergl. Physiol. 64: 212—242.

Chen, P. S. 1956. *Elektrophoretische Bestimmung des Proteingehaltes im Blut normaler und letaler (ltr) Larven von Drosophila melanogaster.* Rev. suisse Zool. 63: 216—229.

— 1959. *Trennung der Blutproteine von Drosophila- und Culex-Larven mittels Stärke-Gel-Elektrophorese.* Rev. suisse Zool. 66: 280—289.

— 1966. *Amino acid and protein metabolism in insect development.* Adv. Insect Physiol. 3: 53—132.

— 1967. *Biochemistry of nucleo-cytoplasmic interactions in morphogenesis.* In: „The Biochemistry of Animal Development" (R. Weber, ed. Vol.2, pp. 115—191. Academic Press, New York und London.

— 1971. *Biochemical Aspects of Insect Development.* S. Karger, Basel.

Hadorn, E. 1949. *Zur Entwicklungsphysiologie der Mutante „ltr" von Drosophila melanogaster.* Rev. suisse Zool. 56: 271—280.

— 1961. *Developmental genetics and lethal factors.* Methuen, London und New York.

— und H. K. Mitchell. 1951 *Properties of mutants of Drosophila melanogaster and changes during development as revealed by paper chromatography.* Proc. Nat. Acad. Sci. 37: 650—665.

— und E. Stumm-Zollinger. 1953. *Untersuchungen zur biochemischen Auswirkung der Mutante „letaltranslucida" (ltr) von Drosophila melanogaster.* Rev. suisse Zool. 60: 506—516.

Hoagland, M. B. 1955. *An enzymic mechanism for amino acid activation in animal tissues.* Biochim. Biophys. Acta 16: 288—289.

Ilan, J. 1968. *Amino acid incorporation and aminoacyl transfer in an insect pupal* system. J. biol. chem. 243: 5859—5866.

Jenny, E., A. Hicklin, und F. Leuthardt. 1962. *In vitro Einbau radioaktiver Aminosäuren in die Proteine von Drosophila-Puppen.* Helv. Chim. Acta 45: 2014—2020.

METZENBERG, R. L. 1962. *Alteration in the level of phosphorus-containing compound in the Drosophila mutant „letal translucida"*. Z. Vererblehre 93: 366—370

ROSIN, S. 1949. *Lokalisation des Faktors „letal-translucida" (ltr) von Drosophila melanogaster*. Rev. suisse Zool. 56: 338—346.

RÜEGG, M. K. 1968. *Untersuchungen zum Proteinstoffwechsel des Wildtyps und der Letalmutante (l tr) von Drosophila melanogaster*. Z. vergl. Physiol. 60 275—307.

STUMM-ZOLLINGER, E. 1954. *Vergleichende Analyse der Aminosäuren und Peptide in der Hämolymphe des Wildtyps und der Mutante „letal-translucida" (ltr) von Drosophila melanogaster*. Z. Vererblehre 86: 126—133.

WEIDELI, H. 1971. *RNS-Stoffwechsel und Proteinsynthese in einem zellfreien System des Wildtyps und der Letalmutante „l(3)tr" von Drosophila melanogaster*. Molec. Gen. Genetics. 112: 167-196.

WEINMANN, H. P., 1964. *Untersuchungen mit markierten Aminosäuren zum Proteinstoffwechsel normaler und letaler Genotypen von Drosophila melanogaster* Z. vergl. Physiol. 48: 429—461.

WELCH, R. M. und L. E. DEBAULT. 1968. *Quantitative microspectrophotometry and microinferometry of nucleic acids in salivary gland, proventriculus and ring gland of the lethal mutant translucida of Drosophila melanogaster* J. Roy. Micr. Soc. 88: 85—118.

N° 40. **G. Pilleri** und **M. Gihr**. — Zur Systematik der Gattung *Platanista* (Cetacea). (Mit 2 Textabbildungen und 2 Tabellen)

Hirnanatomisches Institut der Universität Bern (Schweiz)

> « De tous les dauphins à bec, le plus extraordinaire, celui qui mériterait peut-être le plus de faire un genre à part c'est le *dauphin du Gange*, ... c'est probablement le *platanista* de Pline.»
> (CUVIER, *Ossements fossiles*, 2e éd. v. p. 279, 1823).

Der Gangesdelphin findet eine erste Erwähnung in der *Naturalis Historia* von PLINIUS MAIOR („In Gange Indiae platanistas vocant, rostro delphini et cauda magnitudine autem XV cubitorum ..."). 1554 wird das Tier von RONDELET in seinem berühmten Werke *De Piscibus* erwähnt. LINNAEUS (1758) hingegen führt diese Art nicht an.

Die Artbeschreibung verdanken wir William ROXBURGH im Jahre 1801. Die allgemeine Annahme der modernen systematischen Literatur, dass LEBECK, 1801 diese Delphinart als erster beschrieben hätte, hat sich als irrig erwiesen (PILLERI, 1971).